```
: ID
      T24306 standard; cDNA to mRNA; 293 BP.
;XX
      T24306;
; AC
;XX
      22-SEP-1996
; DT
                    (first entry)
;XX
; DE
      Human gene signature HUMGS06330.
;XX
; KW
      Gene signature; messenger RNA; mRNA; relative abundance; frequency;
; KW
      human; cloning; mapping; non-biased library; diagnosis; detection;
; KW
      cell typing; abnormal cell function; ss.
;XX
;OS
      Homo sapiens.
;XX
; PN
      WO9514772-A1.
;XX
; PD
      01-JUN-1995.
;XX
; PF
      11-NOV-1994;
                      94WO-JP01916.
;XX
; PR
      12-NOV-1993;
                     93JP-0355504.
;XX
; PA
      (MATS/) MATSUBARA K.
; PA
      (OKUB/) OKUBO K.
;XX
;PI
      Matsubara K,
                    Okubo K;
;XX
;DR
      WPI; 1995-206931/27.
;XX;
; PT
      Identifying gene signatures in 3'-directed human cDNA library - e.g.
      for diagnosis of abnormal cell function, by preparing cDNA that
; PT
;PT
      reflects relative abundance of corresp. mRNA in specific human
;PT
      tissues
;XX
      Claim 1; Page 1579; 2245pp; Japanese.
; PS
;XX
;CC
      A single-stranded DNA (or its complementary strand or the corresp.
      double-stranded DNA) which comprises one of the 7837 "GS" sequences
;CC
;CC
      given in T19001-T26837 and which is able to hybridise to part of human genomic DNA, cDNA or mRNA is claimed. The GS (Gene Signature)
;CC
      sequences were obtained from 3'-directed cDNA libraries prepared
;CC
;CC
      from various human tissues; synthesis of cDNA was initiated from the
; CC
      3'-end of mRNA by using poly(T) as the sole primer. Since the 3'-
;CC
      untranslated sequence is unique to a particular mRNA species, almost
;CC
      all the 3'-oriented cDNAs hybridise with specific mRNAs. Each library
;CC
      is constructed so as to reflect accurately the relative abundance of
;CC
      different mRNAs in the particular tissue from which it was derived.
;CC
      The appearance frequency of a given GS in a cDNA library can be
      determined (esp. using primers and probes derived from the GS
;CC
      sequences) as a means of diagnosing abnormal cell function or for
;CC
;CC
      recognising different cell types.
;XX
; SQ
      Sequence 293 BP; 81 A; 51 C; 51 G; 95 T; 15 other;
PSN_T24306
\tt gatccagccatnactaacctatnccnnttttggggaaatctgagcctagctcagaaaaaacataaagcacc
tgatgttgtggttttattatcttaaactctgntccatacacttgtataaatacatggatatttttatgta
cagaggtatgtctcttaaccagttcacttattgtnctctggcaatttaaanganngtcagtaaattnttt
```

December 10 1999 9:27

tncttgtnaaagn1

PCT

国際事務局

特許協力条約に基づいて公開された国際出願

(51) 国際特許分類6

C12N 15/11, C12Q 1/68 // G01N 33/566

A1

(11) 国際公開番号

WO 95/14772

140

(43) 国際公開日

1995年6月1日 (01.06.95)

(21) 国際出願番号

PCT/JP94/01916

(22) 国際出願日

1994年11月11日(11.11.94)

(30) 優先権データ

特願平5/355504

1993年11月12日(12.11.93)

.TP

(71) 出願人;および

(72) 発明者

松原謙一(MATSUBARA, Kenichi)[JP/JP]

〒565 大阪府吹田市山田東3-18-1-804 Osaka, (JP)

大久保公策(OKUBO, Kousaku)[JP/JP]

〒562 大阪府箕面市瀬川2-11-26 Osaka, (JP)

(74) 代理人

弁理士 吉田研二,外(YOSHIDA, Kenji et al.)

〒180 東京都武蔵野市吉祥寺本町1丁目34番12号 Tokyo, (JP)

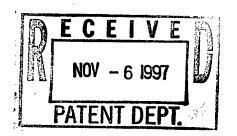
(81) 指定国

AM, AU, BB, BG, BR, BY, CA, CN, CZ, EE, FI, GE, HU, JP, KG, KR, KZ, LK, LR, LT, LV, MD, MG, MN, NO, NZ, PL, RO, RU, SI, SK, TJ, TT, UA, US, UZ, VN, 欧州特許(AT, BE, CH, DE, DK, ES, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE), OAPI特許(BF, BJ, CF, CG, CI, CM, GA, GN, ML, MR, NE, SN, TD, TG), ARIPO特許(KE, MW, SD, SZ).

添付公開書類

国際調査報告書

補正書



(54) Title: GENE SIGNATURE

(54) 発明の名称 ジーン・シグナチャー

(57) Abstract

A 3'-directed cDNA library which accurately reflects the abundance ratio of mRNA in a cell has been prepared from various human tissues, and sequencing of the cDNAs contained in the library has been conducted to examine the incidence of each cDNA in each tissue. As each cDNA has expression information with each tissue corresponding to the mRNA concentration, these cDNAs are usable as a probe or primer for detecting cell anomaly or discriminating cells. The cloned gene can produce proteins utilizable as a medicine or the like.

種々のヒト組織から、mRNAの細胞内の存在割合を忠実に反映する3'指向 c DNAライブラリーを作成した。該ライブラリーに含まれる c DNAを配列決定し、組織毎の各 c DNAの出現頻度を調べた。各 c DNAにはmRNA濃度に対応する組織毎の発現情報が付加されているので、該 c DNAは、細胞の異常を検出したり細胞の識別をするためのプローブ・プライマーなどとして用いることができる。またクローニングされた遺伝子は、医薬品などに利用し得る蛋白質を産生可能である。

情報としての用途のみ

PCTに基づいて公開される国際出願をパンフレット第一頁にPCT加盟国を同定するために使用されるコード

AM アメニンテス スア ド E S I R A G B E S I R A A T U B B E ベルルギー・ア ア	L L L L L L L L L L L L L L L L L L L	RSSSSSSSTTTTTTUUUUV RSSSSSSSTTTTTTTUUUUV RSSSSSSSTTTTTTTUUUUV ロススシススセスチトタトトウウ米ウヴ ロススシススセスチトタトトウウ米ウヴ ロススシススセスチトタトトウウ米ウヴ エーナージルリクガ国ズィー クニーナークルリクガ国ズィー クニーナークルリクガ国ズィー クニーナークーク・ クニーナークーク・ クニーナークーク・ クニーナークーク・ クニーナークーク・ クニーナークーク・ クニーナークークークークークークークークークークークークークークークークークーク
--	---------------------------------------	--

CATGAGCCAC TGTGTCCGAC CCANACCTAC TANTGTTAAT NGANNTTTTN TTAACTNN 238

配列番号:5305 配列の長さ:132 配列の型:核酸 トポロジー:直鎖状

クローン名:HUMGS06329

配列:

GATCAACAGA GTGAGACCCC TGTCTATATA TTNNTTAAAT TTAAAAAATA AAAGANTAAA 60 ATTGTGTAGC TCAGTATAGT ATCAAGATTA ATCTGCCTAC TCACATTTCT ACACTTTATA 120 132 NNANTGTAAT AN

配列番号:5306 配列の長さ:293 配列の型:核酸 トポロジー:直鎖状 クローン名:HUMGS06330

配列:

GATCCAGCCA TNACTAACCT ATNCCNNTTT TGGGGAAATC TGAGCCTAGC TCAGAAAAAC 60 ATAAAGCACC TTGAAAAAGA CTTGGCAGCT TCCNGATAAA GCGTGCTGTG CTGTGCAGTA 120 GGANCACATC CTATTTATTG TGATGTTGTG GTTTTATTAT CTTAAACTCT GNTCCATACA 180 CTTGTATAAA TACATGGATA TTTTTATGTA CAGAGGTATG TCTCTTAACC AGTTCACTTA 240 TTGTNCTCTG GCAATTTAAA NGANNGTCAG TAAATTNTTT TNCTTGTNAA AGN 293

配列番号:5307 配列の長さ:228 配列の型:核酸 トポロジー:直鎖状 クローン名:HUMGS06331

配列:

GATCAAAACC CAGCAGAGTG CAAGCAGCAG TGAAGCAGGA TGTATGTGGC CTTGAGGATA 60 ACCTNCACTG TAATAGCCTA AACACANCTC TAATTTACTT ACAGCCTTAT GTTTTTGTAT 120 TGNCTTGGTA GACTAGGTAA TTTTTTTTA AAGGNCAGGN GACGGNTATT TTAAAGNCCA 180 ATTTGTTCTA CGTAGCATNT TAACTAGTTT TNNTGCCAGC NATGTTGN

配列番号:5308 配列の長さ:113 配列の型:核酸 トポロジー:直鎖状 クローン名: HUMGS06332

配列:

GATCCCTGAA GTTGCCCTGG TCTCTGCACC TTCTAAACCT AGTTCTTAAG AGCTTTCCAT 60 TACATGAGCT GTCTCAAAGC CCTCCAATAA ATTCTCAGTG TAAGCTTCTG AAA 113

配列番号:5309